

臺灣文蛤遺傳育種之研究

杜金蓮、朱惠真、曾福生
水產養殖組

文蛤為臺灣重要養殖物種，本研究主要目的為建立文蛤之基因分型技術，於確立體基因組萃取與處理流程後，進一步建立 RAPD 基因分型技術與後續分析方法。本研究試驗材料來自臺灣不同區域 (代號 0409 為市場隨機購得之文蛤，0526 為馬祖北竿收集之文蛤，0630 為採樣自臺南北門文蛤養殖場，LM 為取自新北市貢寮區龍門之野生文蛤，0831 為採集自淡水河之野生文蛤) 收集之文蛤，共嘗試 50 組 RAPD 引子，經檢視其所擴增之條帶，擇定其中 6 個隨機引子，共獲得 93 條擴增條帶，利用其中的 46 個多型性條帶進行後續之多型性分析 (圖 1)。以非加權組平均法 (unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA) 進行群叢分析可將 76 個個體分做三群 (圖 2)。於遺傳相似度達 0.56 時，可將樣本區分為 3 個群，其一為馬祖及淡水河野生文蛤，另一小群為 3 顆馬祖野生文蛤，最後一群則為市場隨機購得之文蛤、龍門文蛤與北門養殖之文蛤。進一步以鄰接法分析 (neighbor-joining, NJ) 所得之無根圖，則可劃分為 2 大群，分別為野生文蛤 (馬祖-0526、龍門-LM 及淡水河-0831) 及養殖文蛤 (市場文蛤-0409 及北門文蛤-0630)，目前所建立之基因分型技術，可區分文蛤地理群，也可為將來育種提供

選種參考，降低養殖文蛤由於育種親本的親緣相近可能造成的遺傳歧異度縮減的問題。

結論：(1)所建立之基因分型技術具有穩定及再現性高之特性，且此為顯性分子標誌；(2)建立之文蛤體基因組萃取技術及文蛤基因分型技術可區別採集文蛤樣本之地理群；(3)以目前收集之文蛤樣本，已可觀察到有逐漸因各區域之水文、地理環境，逐漸發生遺傳變異，演化出適地適養之不同文蛤基因型；(4)初步可提供養殖業之建議為，繁殖場可以野生群之文蛤做為改良現有養殖文蛤之育種資材，做為遠源雜交之親本。

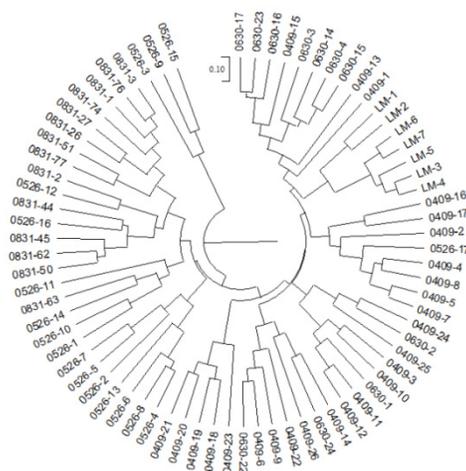


圖 2 採樣文蛤 UPGMA 聚類樹，數字代表樣品編號(比例尺表示遺傳距離)

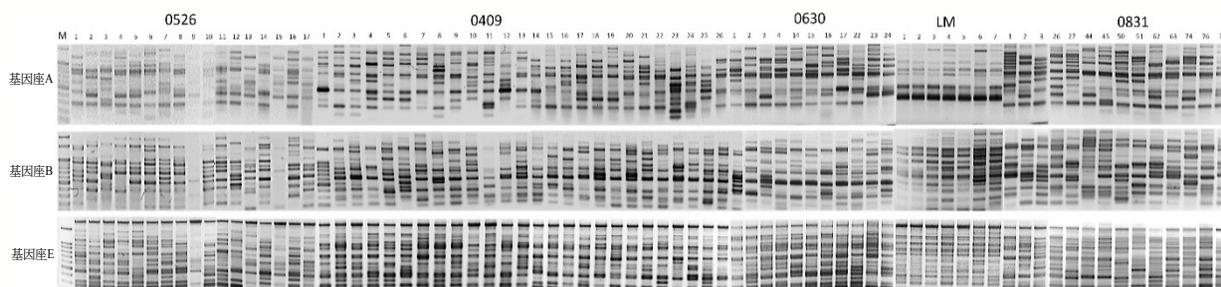


圖 1 以 RAPD 進行聚合酶連鎖反應擴增分析之文蛤體基因座樣態，由上至下分別為不同 RAPD 引子，其中 M 為標準品，0526 為馬祖收集之文蛤，0409 為隨機購得之文蛤，0630 為採樣自臺南北門文蛤養殖場，LM 為取自新北市龍門之野生文蛤，0831 為採集自淡水河之野生文蛤